ว กรมวิทย พ 2569; 68 (3): 756-768

การศึกษาข้อมูลย้อนหลังของโรคติดเชื้อในระบบทางเดินหายใจที่มีสาเหตุมาจากฮิวแมนเมตะนิวโมไวรัส ในผู้ป่วยโรงพยาบาลรามาธิบดี ระหว่างปี พ.ศ. 2555-2565

ตรีวัฒน์ วัฒนะโชคชัย[1] กิ่งกาญจน์ รักษ์มณี[1] พิเชฐ ยุทธนาการวิกรม[1] มนัสนันท์ บุญญานุวัตร์[2] สิรพิชญา พลายแก้ว[2] ประพันธ์ สุขสุเดช[3] วอทันยู นครศรี[4] วุฒิพงษ์ ใจหาญ[5] และ ละออ ชัยลือกิจ[6]

[1]ภาควิชาพยาธิวิทยา คณะแพทยศาสตร์โรงพยาบาลรามาธิบดี มหาวิทยาลัยมหิดล กรุงเทพมหานคร 10400

[2]ภาควิชาจุลชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย กรุงเทพมหานคร 10330

[3]ห้องปฏิบัติการคลินิกเทคนิคการแพทย์ บริษัท แล็บเฮ้าส์ (ชลบุรี) จำกัด ชลบุรี 20000

[4]ธนาคารทรัพยากรชีวภาพแห่งชาติ สำนักงานพัฒนาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ (สวทช.) ปทุมธานี 12120

[5]ภาควิชาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลธัญบุรี ปทุมธานี 12120

[6]ภาควิชาอายุรศาสตร์โรคต่อมไร้ท่อและเมแทบอลิซึม คณะแพทยศาสตร์โรงพยาบาลรามาธิบดี มหาวิทยาลัยมหิดล กรุงเทพมหานคร 10400

บทคัดย่อ ฮิวแมนเมตะนิวโมไวรัส (Human Metapneumovirus, hMPV) เป็นสาเหตุสำคัญของโรคติดเชื้อระบบทางเดินหายใจพบได้ทั่วโลก การศึกษาข้อมูลผู้ป่วย จำนวน 41,261 ราย จากห้องปฏิบัติการไวรัสวิทยา คณะแพทยศาสตร์โรงพยาบาลรามาธิบดี ระหว่างปี พ.ศ. 2555-2565 พบผู้ป่วยติดเชื้อ hMPV จำนวน 2,959 ราย (ร้อยละ 7.17) มีความชุกสูงสุดในปี พ.ศ. 2558 ช่วงเดือนกันยายน ถึง พฤศจิกายน โดยเฉพาะในเดือนกันยายน (ร้อยละ 11.46) เพศหญิงมีความสัมพันธ์กับการติดเชื้อสูงกว่าเพศชาย (p-value = 0.006, OR = 1.18, 95% CI = 1.05-1.33) เด็กก่อนวัยเรียนช่วงอายุ 3-6 ปี มีความชุกสูงสุด (ร้อยละ 10.52) ขณะที่วัยรุ่นช่วงอายุ 12-18 ปี มีความชุกต่ำสุด (ร้อยละ 1.47) ความเสี่ยงต่อการติดเชื้อสูงที่สุดพบในเด็กวัยหัดเดินอายุ 1 ถึง 3 ปี (p < 0.001, OR = 2.75, 95% CI = 2.26-3.34) สิ่งส่งตรวจ nasopharyngeal swab ตรวจพบเชื้อสูงกว่าสิ่งส่งตรวจชนิดอื่น (p < 0.001, OR = 1.45, 95% CI = 1.27-1.65) ผลการศึกษาชี้ให้เห็นว่า hMPV เป็นเชื้อที่พบได้ในทุกช่วงอายุ โดยเฉพาะในเด็กเล็กและข้อมูลนี้สามารถนำไปใช้ในการเตรียมความพร้อมทางห้องปฏิบัติการ เช่น การจัดสรรกำลังคน วัสดุ อุปกรณ์ และเครื่องมือทางการแพทย์ เพื่อรองรับสถานการณ์แพร่ระบาดของเชื้อ hMPV ได้อย่างมีประสิทธิภาพและเพียงพอต่อการให้บริการทางการแพทย์

คำสำคัญ: ฮิวแมนเมตะนิวโมไวรัส, การศึกษาข้อมูลย้อนหลัง, การกระจายตามอายุ, ความผันแปรตามฤดูกาล

Corresponding author E-mail: laor.cha@mahidol.ac.th

Received: 10 September 2025 *Revised: 7 April 2026* *Accepted: 10 April 2026*

บทนำ

ฮิวแมนเมตะนิวโมไวรัส (Human metapneumovirus, hMPV) ถูกค้นพบครั้งแรกในปี พ.ศ. 2544 ในประเทศเนเธอร์แลนด์[1] เป็นไวรัสชนิดอาร์เอ็นเอแบบเส้นเดียวสายลบ (negative-sense single-standed RNA virus) มีเปลือกหุ้ม (enveloped virus) จัดอยู่ในวงศ์ Pneumoviridae สกุล Metapneumovirus เป็นสาเหตุทั่วไปของการติดเชื้อระบบทางเดินหายใจในเด็ก ผู้ใหญ่ ผู้สูงอายุ และผู้ป่วยที่มีภูมิคุ้มกันบกพร่อง[2,3] เชื้อฮิวแมนเมตะนิวโมไวรัสสามารถติดเชื้อเซลล์เยื่อบุของระบบทางเดินหายใจ โดยอาศัยโปรตีนบนผิวไวรัสในการยึดเกาะและเข้าสู่เซลล์เจ้าบ้าน จากนั้นกระตุ้นการตอบสนองของระบบภูมิคุ้มกันและการอักเสบ ส่งผลให้เกิดการทำลายของเยื่อบุหลอดลมและถุงลมปอด กลไกดังกล่าวมีบทบาทสำคัญต่อการเกิดโรคหลอดลมอักเสบและปอดบวมโดยเฉพาะในเด็กเล็ก[4] การติดเชื้อฮิวแมนเมตะนิวโมไวรัสสามารถแสดงอาการได้ตั้งแต่การติดเชื้อทางเดินหายใจส่วนบนและการติดเชื้อทางเดินหายใจส่วนล่างที่รุนแรง เช่น หลอดลมอักเสบและปอดบวม ซึ่งอาจจำเป็นต้องเข้ารับการรักษาในโรงพยาบาล โดยกลุ่มเสี่ยงที่มีอาการรุนแรง ได้แก่ เด็กอายุต่ำกว่า 5 ปี ผู้สูงอายุ และผู้ที่มีโรคประจำตัวหรือมีภาวะภูมิคุ้มกันบกพร่อง ซึ่งการติดเชื้อซ้ำสามารถเกิดขึ้นได้ตลอดชีวิต[3,5] ปัจจุบันยังไม่มีวัคซีนหรือยาต้านไวรัสที่จำเพาะต่อเชื้อฮิวแมนเมตะนิวโมไวรัส การรักษาจึงเป็นการรักษาแบบประคับประคองตามอาการเป็นหลัก[6]

การศึกษาทางระบาดวิทยาด้านภูมิคุ้มกันแสดงให้เห็นว่าเด็กทั่วโลกที่ติดเชื้อฮิวแมนเมตะนิวโมไวรัสส่วนใหญ่อยู่ในช่วงอายุ 5 ปี[7] โดยมีรายงานว่าผู้ติดเชื้อประมาณ 14.2 ล้านรายต่อปี เข้ารับการรักษาในโรงพยาบาล 643,000 ราย เป็นสาเหตุสำคัญของการติดเชื้อทางเดินหายใจส่วนล่างเฉียบพลัน (acute lower respiratory infections, ALRIs) ในเด็กและเสียชีวิตถึง 16,100 ราย ซึ่งการเสียชีวิตเกิดขึ้นในเด็กทารกที่อายุน้อยกว่า 6 เดือน สูงถึงร้อยละ 64[8] ความชุกของการติดเชื้อฮิวแมนเมตะนิวโมไวรัสในเด็กอายุต่ำกว่า 5 ปี ทั่วโลก มีความแตกต่างกันอย่างมากตั้งแต่ร้อยละ 1.1–86 ซึ่งสะท้อนถึงอิทธิพลของปัจจัยด้านภูมิอากาศ ฤดูกาล บริบททางสังคมเศรษฐกิจ[9] นอกจากนี้ภายหลังการยกเลิกมาตรการควบคุมการแพร่ระบาดอันเนื่องมาจากโรคติดเชื้อ Coronavirus disease 2019 (COVID-19) ได้มีการระบาดนอกฤดูกาลของเชื้อฮิวแมนเมตะนิวโมไวรัสเพิ่มขึ้นในหลายประเทศทั้งในผู้ใหญ่และเด็ก มีการแพร่ระบาดเป็นระลอกพร้อมกับการเปลี่ยนแปลงของสายพันธุ์ไวรัส โดยพบว่ามีความสัมพันธ์กับเชื้อฮิวแมนเมตะนิวโมไวรัสสายพันธุ์ A2.2.2[10] โดยอัตราการแพร่ระบาดโดยรวมทั่วโลกของเชื้อ hMPV ในผู้ป่วยโรคติดเชื้อทางเดินหายใจ 2,236,820 ราย อยู่ที่ร้อยละ 5.3 การติดเชื้อทางเดินหายใจส่วนล่างมีอัตราการแพร่ระบาดสูงสุด ร้อยละ 8.2 โดยพบหลอดลมฝอยอักเสบ ร้อยละ 7.0 และปอดอักเสบ ร้อยละ 5.5[11]

การศึกษาทางระบาดวิทยาระดับโมเลกุลของเชื้อฮิวแมนเมตะนิวโมไวรัส แสดงให้เห็นถึงความหลากหลายของสายพันธุ์ที่หมุนเวียนในประชากร โดยเฉพาะสายพันธุ์ A2, B1 และ B2 พบการกลายพันธุ์อย่างต่อเนื่อง พบว่าสายพันธุ์ A2c มีการกลายพันธุ์จำนวนมากถึงประมาณ 277 ตำแหน่ง ซึ่งอาจส่งผลต่อความสามารถในการแพร่กระจายและความรุนแรงของโรค นอกจากนี้พบลักษณะเด่นของการกลายพันธุ์แบบ insertion โดยเฉพาะการเพิ่มขึ้นของนิวคลีโอไทด์ จำนวน 111 ตำแหน่ง (111 – nt duplication) ในสายพันธุ์ A2.2.2 ซึ่งเป็นสายพันธุ์ย่อย A2c111nt – dup ที่กำลังแพร่ระบาดและมีสัดส่วนสูงประมาณร้อยละ 84 ในหลายพื้นที่[12,13] และพบการติดเชื้อร่วมกับไวรัสสายพันธุ์อื่น (co-infection) เช่น Respiratory syncytial virus, Enterovirus, และ Rhinovirus ซึ่งอาจเพิ่มความรุนแรงของอาการทางคลินิก[14-16] โดยการติดเชื้อสูงสุดอยู่ในช่วงฤดูหนาวมีการตรวจพบจีโนไทป์ A (ร้อยละ 81.25) โดยเฉพาะสายพันธุ์ A2.2.2 (ร้อยละ 92.31) รองลงมา คือ A2.2.1 (ร้อยละ 7.69) ส่วนจีโนไทป์ B ตามลำดับ[12] สำหรับประเทศไทยมีรายงานการตรวจพบเชื้อฮิวแมนเมตะนิวโมไวรัสในเด็กที่เข้ารับการรักษาด้วยอาการติดเชื้อทางเดินหายใจเฉียบพลันอย่างต่อเนื่อง โดยพบการระบาดมากในช่วง

ปลายฤดูฝนต้นฤดูหนาว[15,18] การศึกษาในประเทศไทยรายงานว่า เชื้อฮิวแมนเมตะนิวโมไวรัสเป็นหนึ่งในสาเหตุสำคัญของการติดเชื้อทางเดินหายใจส่วนล่างในเด็กและมักพบการติดเชื้อร่วมกับไวรัสชนิดอื่น ส่งผลให้ต้องเข้ารับการรักษาในโรงพยาบาลทำให้มีค่าใช้จ่ายจำนวนมากและเพิ่มภาระค่าใช้จ่ายด้านสาธารณสุข[17,18] ประเทศไทยมีรายงานการศึกษาทางระบาดวิทยาในเด็กพบว่าฮิวแมนเมตะนิวโมไวรัสส่วนใหญ่เป็นสายพันธุ์ที่หมุนเวียน จากการวิเคราะห์สายวิวัฒนาการจาก fusion glycoprotein gene พบว่าเชื้อฮิวแมนเมตะนิวโมไวรัสที่ตรวจพบ ได้แก่ สายพันธุ์ย่อย B1 (ร้อยละ 96.8), A2a (ร้อยละ 1.6) และ A2b (ร้อยละ 1.6) ตามลำดับ[19] และลักษณะอาการทางคลินิกพบว่าเด็กที่ติดเชื้อส่วนใหญ่จะมีอาการใกล้เคียงกับการติดเชื้อไวรัสอาร์เอสวี เช่น ไข้ ไอ และหลอดลมฝอยอักเสบแบบเฉียบพลัน[20] และยังพบการติดเชื้อซ้ำได้ ร้อยละ 4.9 แสดงให้เห็นถึงภูมิคุ้มกันต่อเชื้อแบบไม่ถาวรและอาจส่งผลให้เกิดการระบาดซ้ำในเด็ก[21]

เชื้อฮิวแมนเมตะนิวโมไวรัสถูกค้นพบมานานกว่าทศวรรษ แต่ยังไม่มีวัคซีนหรือยาต้านไวรัสสำหรับใช้ในการรักษาอย่างจำเพาะ ในการศึกษานี้มีวัตถุประสงค์เพื่อหาความสัมพันธ์ระหว่างปัจจัยต่าง ๆ ที่มีอิทธิพลต่อการติดเชื้อฮิวแมนเมตะนิวโมไวรัส ได้แก่ เพศและกลุ่มอายุ รวมถึงศึกษาความสัมพันธ์ระหว่างชนิดของสิ่งส่งตรวจทางการแพทย์กับการตรวจพบสารพันธุกรรมของเชื้อฮิวแมนเมตะนิวโมไวรัส และนำข้อมูลไปใช้ประโยชน์ในการเตรียมความพร้อมการเกี่ยวกับการตรวจวิเคราะห์เชื้อฮิวแมนเมตะนิวโมไวรัสในห้องปฏิบัติการทางด้านการแพทย์ การศึกษาข้อมูลทางระบาดวิทยาอย่างต่อเนื่องโดยเฉพาะบริบทของประเทศไทย จึงมีความจำเป็นอย่างยิ่งต่อการเฝ้าระวังและป้องกันการแพร่ระบาดของเชื้อฮิวแมนเมตะนิวโมไวรัสที่อาจเกิดการแพร่ระบาดขึ้นในอนาคต

วัสดุและวิธีการ

รูปแบบการศึกษา

การศึกษานี้เป็นการศึกษาแบบย้อนหลังเชิงพรรณนา (Retrospective descriptive study) และเป็นการศึกษาเชิงสังเกต (Observational study) ข้อมูลที่ใช้ในการศึกษารวบรวมจากผู้ป่วยในที่ถูกส่งตรวจหาสารพันธุกรรมของเชื้อฮิวแมนเมตะนิวโมไวรัส ณ ห้องปฏิบัติการไวรัสวิทยา คณะแพทยศาสตร์โรงพยาบาลรามาธิบดี ตั้งแต่วันที่ 1 มกราคม พ.ศ. 2555 ถึง 31 ธันวาคม พ.ศ. 2565 โดยผู้ป่วยที่เข้ารับการตรวจจะถูกพิจารณาว่าเป็นผู้ป่วยต้องสงสัยติดเชื้อทางเดินหายใจเฉียบพลัน โดยมีอาการอย่างน้อยหนึ่งข้อ ได้แก่ ไข้ ไอ น้ำมูกไหล หายใจลำบาก โดยแพทย์ผู้ดูแลพิจารณาส่งตรวจทางห้องปฏิบัติการ

เกณฑ์การคัดเลือกตัวอย่าง (inclusion criteria)

ข้อมูลผู้ป่วยทุกช่วงอายุที่มีกลุ่มอาการติดเชื้อทางเดินหายใจเฉียบพลัน และได้รับการส่งตรวจหาสารพันธุกรรมของเชื้อฮิวแมนเมตะนิวโมไวรัส ด้วยวิธี Nucleic Acid Analysis Test (NAAT) โดยใช้ชุดทดสอบ xTAG Respiratory Viral Panel (Luminex Corporation, USA) และ FTD Respiratory Pathogen 33 multiplex PCR kit (Fast Track Diagnostics, Luxembourg)

เกณฑ์การคัดออก (exclusion criteria)

ผู้ป่วยที่ไม่มีข้อมูล ผู้ป่วยที่มีข้อมูลการส่งตรวจซ้ำภายในช่วงเวลาเวลา 1 เดือน และผู้ป่วยรายเดียวกันที่มีการส่งตรวจด้วยตัวอย่างมากกว่า 1 ชนิด ในช่วงเวลาภายในช่วง 1 เดือน รวมทั้งผู้ป่วยที่ไม่ได้ส่งตัวอย่างเพื่อตรวจหาสารพันธุกรรมของเชื้อฮิวแมนเมตะนิวโมไวรัส

การรวบรวมและเตรียมข้อมูล

การศึกษานี้รวบรวมข้อมูล (raw data) จากระบบสารสนเทศของห้องปฏิบัติการ (Laboratory Information System, LIS) เพื่อเตรียมข้อมูลสำหรับการวิเคราะห์ทางสถิติโดยดำเนินการกำจัดข้อมูลที่ซ้ำซ้อนและผู้ป่วยที่ไม่ข้อมูลออก ในขั้นตอนการเตรียมข้อมูล (data preparation) รวมทั้งในกรณีที่ผู้ป่วยรายเดียวกันมีการส่งตรวจมากกว่า 1 ชนิด ภายในช่วงเวลาเดียวกัน

ข้อมูลตัวแปรพื้นฐาน ประกอบด้วย เพศ (sex) แบ่งเป็น เพศชาย (male) และเพศหญิง (female) และ

กลุ่มอายุ (age) แบ่งออกเป็น 8 กลุ่ม ได้แก่ อายุน้อยกว่า 1 เดือน (newborn), อายุมากกว่า 1 เดือน ถึง 1 ปี (infant), อายุมากกว่า 1 ปี ถึง 3 ปี (toddler), อายุมากกว่า 3 ปี ถึง 6 ปี (preschooler), อายุมากกว่า 6 ปี ถึง 12 ปี (school-age child), อายุมากกว่า 12 ปี ถึง 18 ปี (adolescent), อายุมากกว่า 18 ปี ถึง 60 ปี (adult) และอายุมากกว่า 60 ปี (elderly)

ข้อมูลประเภทตัวอย่างการทางการแพทย์ (specimen type) ได้แก่ Nasal swab (NS), Nasal wash (NW), Nasopharyngeal aspirate (NPA), Nasopharyngeal swab (NPS), Nasopharyngeal wash (NPW) และ Throat swab (TS) ถูกนำมาวิเคราะห์ในฐานะตัวแปรร่วม (covariate) เพื่อสะท้อนถึงความแตกต่างในการเลือกชนิดตัวอย่างสำหรับการตรวจวินิจฉัยและให้บริการทางการแพทย์ ซึ่งไม่ได้ทำการประเมินคุณภาพของการตรวจวิเคราะห์ทางห้องปฏิบัติการโดยตรง

นอกจากนี้ข้อมูลถูกแบ่งตามเดือนและปีของการตรวจตั้งแต่เดือนมกราคม ถึง ธันวาคม และในช่วงระยะเวลาตั้งแต่ปี พ.ศ. 2555-2565 เพื่อใช้ในการวิเคราะห์แนวโน้มตามฤดูกาล รวมทั้งจำแนกข้อมูลในช่วงก่อน-หลังสถานการณ์การแพร่ระบาดของโรค COVID-19 (COVID-19 pandemic)

การวิเคราะห์ข้อมูลและสถิติที่ใช้

การวิเคราะห์ข้อมูลเป็นการศึกษาแบบย้อนหลังจากผลการตรวจวิเคราะห์ของห้องปฏิบัติการไวรัสวิทยา โดยใช้วิธีการทางสถิติในการวิเคราะห์ข้อมูลทั่วไปและหาความสัมพันธ์ระหว่างตัวแปรต่าง ๆ ในการวิเคราะห์ข้อมูลเชิงพรรณนา (descriptive statistics) ทำการศึกษาข้อมูลเกี่ยวกับจำนวนความถี่ (frequency) ร้อยละ (percentage) ค่าต่ำสุด (minimum) และค่าสูงสุด (maximum) ในขณะที่การวิเคราะห์เชิงอนุมาน (inferential statistics) จะมุ่งเน้นไปที่การหาความสัมพันธ์ระหว่างปัจจัยต่าง ๆ กับการติดเชื้อฮิวแมนเมตะนิวโมไวรัส โดยใช้การวิเคราะห์ไคสแควร์ (chi-square) ที่ระดับนัยสำคัญทางสถิติ 0.05 และทำการวิเคราะห์ด้วย binary logistic regression ทั้งการวิเคราะห์แบบตัวแปรเดียว (univariable analysis) เพื่อแสดงภาพรวมของความสัมพันธ์ และการวิเคราะห์หลายตัวแปร (multivariable analysis) เพื่อปรับ confounding variable ที่ส่งผลกระทบต่อการศึกษาความสัมพันธ์ โดยในการวิเคราะห์ใช้โปรแกรม Microsoft Excel 2021, Stata Version 18 SE (Stata Corp LLC, College Station, USA), R Version 4.3.2 (R Foundation for Statistical Computing, Austria) และ RStudio Version 2024.09.0-375 (Posit PBC, USA)

จริยธรรมการวิจัย

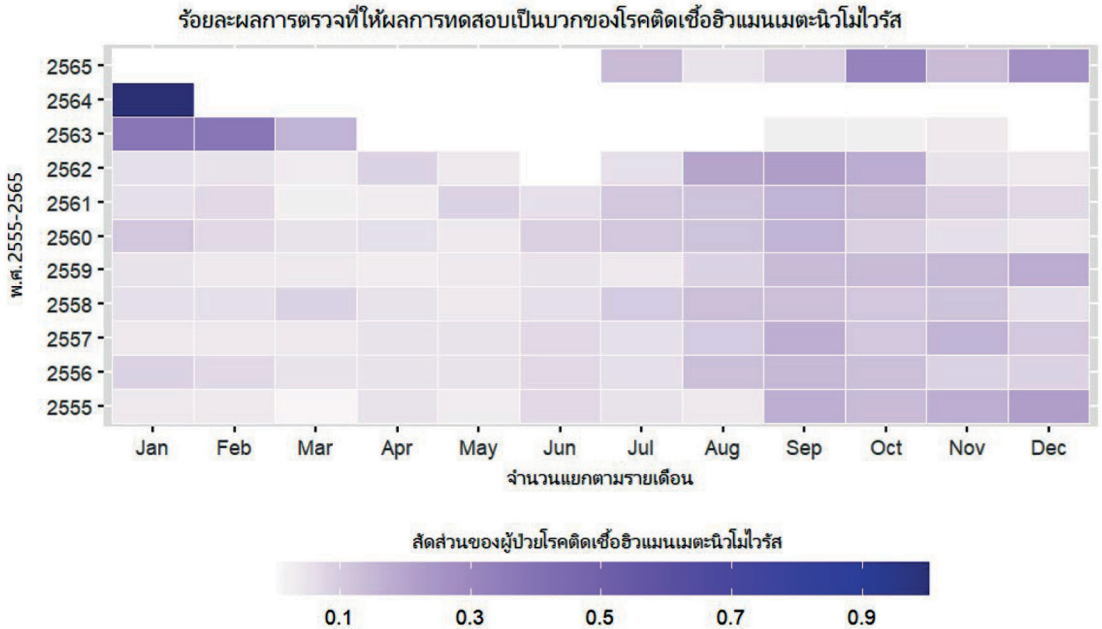
ได้รับการอนุมัติการรับรองด้านจริยธรรม (COA. MURA2023/253) จากคณะกรรมการจริยธรรมและการวิจัยในคน คณะแพทยศาสตร์โรงพยาบาลรามาธิบดี มหาวิทยาลัยมหิดล เมื่อวันที่ 7 มีนาคม พ.ศ. 2566

ผล

การศึกษาข้อมูลผลการตรวจวิเคราะห์หาเชื้อฮิวแมนเมตะนิวโมไวรัสของห้องปฏิบัติการไวรัสวิทยา คณะแพทยศาสตร์โรงพยาบาลรามาธิบดี ของผู้ป่วยจำนวน 41,261 ราย จากตัวอย่างของผู้ป่วยที่มีอาการทางระบบทางเดินหายใจ พบผู้ติดเชื้อฮิวแมนเมตะนิวโมไวรัส ร้อยละ 7.17 (2,959/41,261) ตั้งแต่ปี พ.ศ. 2555-2565 พบความชุกของผู้ติดเชื้อฮิวแมนเมตะนิวโมไวรัสในแต่ละปี คิดเป็นร้อยละ 6.13 (169/2,757), 9.79 (417/4,261), 7.09 (330/4,655), 10.13 (573/5,657), 5.11 (401/7,844), 9.78 (606/6,194), 5.85 (209/3,575), 6.53 (186/2,847), 2.85 (45/1,580), 0.12 (1/831) และ 2.08 (22/1,060) ตามลำดับ

จากการศึกษาความถี่ของการติดเชื้อฮิวแมนเมตะนิวโมไวรัสในช่วงเดือนต่าง ๆ จากข้อมูลในปี พ.ศ. 2555-2565 พบความชุกของผู้ติดเชื้อฮิวแมนเมตะนิวโมไวรัสในเดือนเดียวกันของแต่ละปี ตั้งแต่มกราคม ถึง ธันวาคม คิดเป็นร้อยละ 5.84 (217/3,716), 5.04 (179/3,550), 4.20 (145/3,449), 5.08 (141/2,775), 4.64 (129/2,780), 6.02 (186/3,088), 6.17 (230/3,727), 8.40 (339/4,038), 11.46 (455/3,969),

9.97 (358/3,589), 9.36 (311/3,321) และ 8.25 (269/3,259) ตามลำดับ ความถี่ของการตรวจพบเชื้อฮิวแมนเมตะนิวโมไวรัส พบจำนวนเพิ่มสูงขึ้นในช่วง พ.ศ. 2556-2560 และมีค่าสูงสุดในปี พ.ศ. 2558 การตรวจพบเชื้อส่วนใหญ่อยู่ในช่วงเดือนกันยายนถึง พฤศจิกายน หลังจากนั้นการตรวจพบเชื้อลดลงในช่วง พ.ศ. 2563-2564 ซึ่งอยู่ในช่วงการแพร่ระบาดของโรค COVID-19 และเพิ่มขึ้นอีกครั้งในช่วงครึ่งปีหลังของปี พ.ศ. 2565 สัดส่วนของผลการตรวจพบเชื้อฮิวแมนเมตะนิวโมไวรัสของเดือนเดียวกันในแต่ละปีในช่วงปี พ.ศ. 2555-2565 ดังแสดงในภาพที่ 1



ภาพที่ 1 สัดส่วนของผู้ติดเชื้อฮิวแมนเมตะนิวโมไวรัส จำแนกเป็นรายเดือนระหว่างปี พ.ศ. 2555-2565

การวิเคราะห์ข้อมูลทั่วไปของผู้ป่วยที่ได้รับการตรวจหาเชื้อฮิวแมนเมตะนิวโมไวรัสทั้งสิ้น 39,685 ราย พบว่าในกลุ่มผู้ป่วยเพศหญิงตรวจพบการติดเชื้อฮิวแมนเมตะนิวโมไวรัส คิดเป็นร้อยละ 7.67 (19,064/39,685) และเพศชาย ร้อยละ 6.61 (20,621/39,685) การจำแนกข้อมูลตามกลุ่มอายุ พบว่ามีอัตราการตรวจพบการติดเชื้อสูงสุดในเด็กเล็ก (toddler) ร้อยละ 10.23 (479/4,682) ขณะที่ตรวจพบการติดเชื้อในผู้สูงอายุอยู่ที่ร้อยละ 3.61 (233/6,456) โดยสิ่งส่งตรวจชนิด Nasopharyngeal aspirate มีอัตราการตรวจพบเชื้อสูงถึงร้อยละ 8.54 (79/925) ขณะที่ Nasal swab มีอัตราการตรวจพบเชื้ออยู่ที่ร้อยละ 5.82 (1,029/17,683) และมีค่า *p*-value สำหรับการวิเคราะห์ตัวอย่างทั้ง 2 ชนิด มีค่าน้อยกว่า 0.001 ดังแสดงในตารางที่ 1

ตารางที่ 1 การแพร่กระจายของการติดเชื้อฮิวแมนเมตะนิวโมไวรัสจำแนกตามลักษณะประชากรและตัวอย่าง

Factors		Number	hMPV				*p*-value
			P	(%)	N	(%)	
Sex	Female	19,064 (48.04%)	1,462	7.67	17,602	92.33	< 0.001
	Male	20,621 (51.96%)	1,364	6.61	19,257	93.39	
Age	Newborn	135 (0.52%)	3	2.22	132	97.78	< 0.001
	Infant	3,737 (14.46%)	275	7.36	3,462	92.64	
	Toddler	4,682 (18.11%)	479	10.23	4,203	89.77	
	Preschooler	2,852 (11.03%)	300	10.52	2,552	89.48	

ตารางที่ 1 การแพร่กระจายของการติดเชื้อฮิวแมนเมตะนิวโมไวรัสจำแนกตามลักษณะประชากรและตัวอย่าง (ต่อ)

Factors		Number	hMPV				*p*-value
			P	(%)	N	(%)	
	School-aged child	1,792 (6.93%)	72	4.02	1,720	95.98	
	Adolescent	749 (2.90%)	11	1.47	738	98.53	
	Adult	5,444 (21.06%)	201	3.69	5,243	96.31	
	Elderly	6,456 (24.98%)	233	3.61	6,223	96.39	
Specimen	Nasopharyngeal aspirate	925 (2.75%)	79	8.54	846	91.46	< 0.001
	Nasopharyngeal swab	10,827 (32.33%)	975	9.01	9,852	90.99	
	Nasopharyngeal wash	896 (2.67%)	86	9.60	810	90.40	
	Nasal swab	17,683 (52.64%)	1,029	5.82	16,654	94.18	
	Nasal wash	518 (1.54%)	38	7.34	480	92.66	
	Throat swab	2,743 (8.17%)	216	7.87	2,527	92.13	
COVID-19 pandemic	After	3,471 (8.41%)	68	1.96	3,403	98.04	< 0.001
	Before	37,790 (91.58%)	2,891	7.65	34,899	92.35	

หมายเหตุ: hMPV = Human metapneumovirus, *p*-value = probability value, P = Positive และ N = Negative

การวิเคราะห์ความสัมพันธ์ระหว่างเพศกับการติดเชื้อฮิวแมนเมตะนิวโมไวรัสแบบ univariable analysis พบว่าเพศหญิงมีความสัมพันธ์กับการติดเชื้อฮิวแมนเมตะนิวโมไวรัสสูงกว่าในเพศชายอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ (p < 0.001, Odds Ratio (OR) = 1.17, 95% confidence interval (95% CI) = 1.09-1.27) เมื่อวิเคราะห์ตามกลุ่มอายุ โดยอ้างอิงกับกลุ่ม adult พบว่าในกลุ่ม infant (p < 0.001, OR = 2.07, 95% CI = 1.72-2.50), toddler (p < 0.001, OR = 2.97, 95% CI = 2.51-3.52) และ preschooler (p < 0.001, OR = 3.07, 95% CI = 2.55-3.69) มีความสัมพันธ์กับการติดเชื้อฮิวแมนเมตะนิวโมไวรัสสูงกว่า adult อย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ

การวิเคราะห์ผลของชนิดสิ่งส่งตรวจทางการแพทย์เพื่ออธิบายความแตกต่างของการตรวจพบเชื้อในบริบทของการเฝ้าระวังทางห้องปฏิบัติการ เมื่ออ้างอิงกับ NS พบว่า NPA (p = 0.001, OR = 1.51, 95% CI = 1.19-1.92), NPS (p < 0.001, OR = 1.60, 95% CI = 1.46-1.75), NPW (p < 0.001, OR = 1.72, 95% CI = 1.36-2.16) และ TS (p < 0.001, OR = 1.38, 95% CI = 1.19-1.61) และช่วงก่อนสถานการณ์โรค COVID-19 พบว่ามีความสัมพันธ์กับการตรวจพบเชื้อฮิวแมนเมตะนิวโมไวรัสอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ (p < 0.001, OR = 1.42, 95% CI = 1.18-1.67) ดังแสดงในตารางที่ 2

ตารางที่ 2 การวิเคราะห์ความสัมพันธ์ระหว่างปัจจัยต่าง ๆ กับการติดเชื้อฮิวแมนเมตะนิวโมไวรัสแบบ univariable analysis

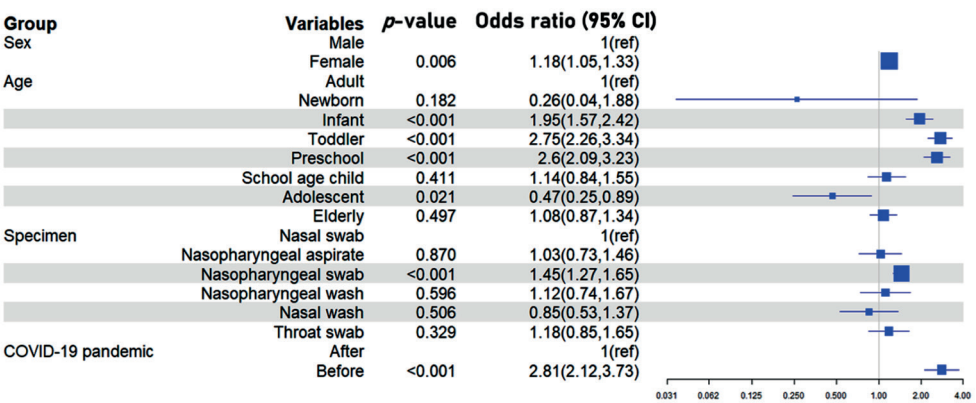
Factors		Odds Ratio	95% CI	*p*-value
Sex	Male	1 (ref)		
	Female	1.17	1.09-1.27	< 0.001
Age	Adult	1 (ref)		
	Newborn	0.59	0.19-1.88	0.374
	Infant	2.07	1.72-2.50	< 0.001
	Toddler	2.97	2.51-3.52	< 0.001
	Preschooler	3.07	2.55-3.69	< 0.001

ตารางที่ 2 การวิเคราะห์ความสัมพันธ์ระหว่างปัจจัยต่าง ๆ กับการติดเชื้อฮิวแมนเมตะนิวโมไวรัสแบบ univariable analysis (ต่อ)

	Factors	Odds Ratio	95% CI	*p*-value
	School-aged child	1.09	0.83-1.44	0.530
	Adolescent	0.39	0.21-0.72	0.002
	Elderly	0.98	0.81-1.18	0.810
Specimen	Nasal swab	1 (ref)		
	Nasopharyngeal aspirate	1.51	1.19-1.92	0.001
	Nasopharyngeal swab	1.60	1.46-1.75	< 0.001
	Nasopharyngeal wash	1.72	1.36-2.16	< 0.001
	Nasal wash	1.28	0.92-1.79	0.149
	Throat swab	1.38	1.19-1.61	< 0.001
COVID-19 pandemic	After	1 (ref)		
	Before	1.42	1.18-1.67	< 0.001

หมายเหตุ: *p*-value = probability value และ 95% CI = 95% Confidence Interval

การวิเคราะห์แบบ multivariable analysis ได้คัดเลือกตัวแปรจากการวิเคราะห์แบบ univariable analysis โดยพิจารณากลุ่มอ้างอิงจากตัวแปรที่มีความสำคัญ ได้แก่ เพศชาย กลุ่มผู้ใหญ่ ตัวอย่าง NS และช่วงหลังการแพร่ระบาดของโรค COVID-19 เพื่อควบคุมปัจจัยกวนที่อาจมีผลต่อการติดเชื้อฮิวแมนเมตะนิวโมไวรัส ผลการวิเคราะห์พบว่าเพศหญิงมีแนวโน้มความเสี่ยงต่อการติดเชื้อฮิวแมนเมตะนิวโมไวรัสสูงกว่าเพศชาย (OR = 1.18, p = 0.006) แม้ว่าไม่ถึงระดับที่มีนัยสำคัญทางสถิติ การจำแนกตามกลุ่มอายุพบว่ากลุ่มเด็กเล็ก (Toddler) มีความเสี่ยงสูงกว่ากลุ่มอ้างอิง (OR = 2.75, p < 0.001) รองลงมา คือ กลุ่มเด็กวัยอนุบาล (Preschooler) (OR = 2.60, p < 0.001) และกลุ่มเด็กทารก (Infant) (OR = 1.95, p < 0.001) ขณะที่กลุ่มผู้สูงอายุมีความเสี่ยงน้อยกว่ากลุ่มอ้างอิง นอกจากนี้ เมื่อพิจารณาผลกระทบของการแพร่ระบาดของโรค COVID-19 โดยเปรียบเทียบช่วงเวลาก่อน และหลังสถานการณ์การแพร่ระบาดพบว่าช่วงก่อนการแพร่ระบาดพบความสัมพันธ์กับการตรวจพบ เชื้อฮิวแมนเมตะนิวโมไวรัสสูงกว่าช่วงหลังการแพร่ระบาดอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ (OR = 2.81, p < 0.001) รายละเอียดการวิเคราะห์แบบ multivariable analysis ดังแสดงในภาพที่ 2



ภาพที่ 2 การศึกษาความสัมพันธ์ระหว่างปัจจัยที่มีอิทธิพลต่อการติดเชื้อฮิวแมนเมตะนิวโมไวรัสด้วย multivariable logistic regression model และ adjusted odds ratio

วิจารณ์

จากการศึกษาย้อนหลังในช่วงระยะเวลาเวลา 11 ปี ที่ผ่านมา ตั้งแต่ปี พ.ศ. 2555–2565 พบผู้ป่วยทั้งหมด 41,261 ราย และพบผู้ติดเชื้อฮิวแมนเมตะนิวโมไวรัส จำนวน 2,959 ราย คิดเป็นร้อยละ 7.17 ซึ่งใกล้เคียงกับรายงานของ Yahia S และคณะ[22] ที่พบความชุกโดยรวมร้อยละ 8 (95% CI = 6.1–10.4) สะท้อนให้เห็นว่าความชุกของเชื้อฮิวแมนเมตะนิวโมไวรัสในผู้ป่วยระบบทางเดินหายใจมีความใกล้เคียงกันในหลายประเทศ อย่างไรก็ตามความชุกที่ต่ำกว่าการศึกษาของ Lamichhane J และคณะ[23] ซึ่งรายงานถึงร้อยละ 13.3 อาจอธิบายได้จากความแตกต่างด้านช่วงอายุของกลุ่มตัวอย่างที่เน้นศึกษาการติดเชื้อทางเดินหายใจเฉียบพลันในเด็ก (acute respiratory infections, ARIs) เกณฑ์การคัดเลือกผู้ป่วย รวมถึงบริบททางระบาดวิทยาและฤดูกาลของแต่ละประเทศ ซึ่งมีผลต่อการแพร่กระจายของเชื้อไวรัสระบบทางเดินหายใจ การที่พบความชุกสูงสุดในปี พ.ศ. 2558 และลดลงอย่างชัดเจนในช่วงที่มีการแพร่ระบาดของโรค COVID-19 ระหว่างปี พ.ศ. 2563–2565 มีความเป็นไปได้ว่าเกิดจากมาตรการสาธารณสุข เช่น การสวมหน้ากากอนามัย การเว้นระยะห่างทางสังคม และการปิดสถานศึกษา ส่งผลต่อการลดการแพร่กระจายของไวรัสระบบทางเดินหายใจหลายชนิดไม่เฉพาะฮิวแมนเมตะนิวโมไวรัสเท่านั้น สอดคล้องกับรายงานการลดลงของเชื้อระบบทางเดินหายใจอื่น ๆ ในช่วงการแพร่ระบาดของโรค COVID-19 ทั้งในประเทศไทยและต่างประเทศ[24]

การวิเคราะห์ความชุกของการติดเชื้อฮิวแมนเมตะนิวโมไวรัสตามฤดูกาล พบความชุกของการติดเชื้อสูงในช่วงเดือนกันยายน ถึง พฤศจิกายน ซึ่งเป็นช่วงปลายฤดูฝนต้นฤดูหนาวของประเทศไทย แตกต่างจากการศึกษาของ Lamichhane J และคณะ ที่พบความชุกสูงในช่วงปลายฤดูหนาว[23,25] ซึ่งความแตกต่างนี้อาจเกิดจากลักษณะภูมิอากาศ ลักษณะทางภูมิศาสตร์ และพฤติกรรมของประชากรที่ไม่เหมือนกัน ผลการศึกษาชี้ให้เห็นว่าเชื้อฮิวแมนเมตะนิวโมไวรัส สามารถแพร่ระบาดได้ตลอดทั้งปี มีช่วงความชุกสูงสุดและต่ำสุดแตกต่างกันในแต่ละประเทศ การศึกษานี้พบว่าเพศหญิงมีความเสี่ยงต่อการเกิดโรคติดเชื้อฮิวแมนเมตะนิวโมไวรัสสูงกว่าเพศชายอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ สอดคล้องกับงานวิจัยของ Yahia S และคณะ[22] รวมถึงการศึกษาในประเทศไทยจากคณะผู้วิจัยโรงพยาบาลศิริราช และจุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย ที่พบแนวโน้มของเชื้อไวรัสระบบทางเดินหายใจบางชนิดสูงในเพศหญิง[19,20] ซึ่งอาจเกี่ยวข้องกับหลายปัจจัย อย่างไรก็ตามประเด็นนี้ยังคงต้องการการศึกษาเพิ่มเติมเพื่ออธิบายความแตกต่างดังกล่าว ในด้านอายุพบว่ากลุ่มเด็กอายุ 3–6 ปี (preschooler) และ 1–3 ปี (toddler) มีความชุกในการติดเชื้อสูงที่สุด สอดคล้องกับการศึกษาทั้งในประเทศและต่างประเทศที่รายงานว่าเด็กอายุต่ำกว่า 5 ปี เป็นกลุ่มเสี่ยงสำคัญต่อการติดเชื้อฮิวแมนเมตะนิวโมไวรัส[25-27] รวมถึงงานวิจัยในประเทศไทยที่รายงานการตรวจพบเชื้อฮิวแมนเมตะนิวโมไวรัสในเด็กเล็กที่เข้ารับการรักษาด้วยโรคติดเชื้อทางเดินหายใจแบบเฉียบพลันในสัดส่วนที่สูง[17,28,29] อาจอธิบายได้จากระบบภูมิคุ้มกันที่ยังพัฒนาไม่สมบูรณ์ การอยู่ร่วมกันในสถานรับเลี้ยงเด็กหรือโรงเรียนอนุบาล และการสัมผัสกันแบบใกล้ชิด ในขณะที่กลุ่มวัยรุ่นในช่วงอายุ 12–18 ปี (adolescent) พบความชุกต่ำที่สุด อาจสะท้อนถึงการมีภูมิคุ้มกันจากการติดเชื้อในอดีต สำหรับตัวอย่าง NPS จะมีอัตราการตรวจพบสารพันธุกรรมของเชื้อไวรัสฮิวแมนเมตะนิวโมไวรัสที่สูงกว่าตัวอย่างชนิดอื่น และตรวจพบสารพันธุกรรมได้น้อยที่สุดในตัวอย่าง NS อย่างไรก็ตาม การศึกษานี้ไม่ได้มีวัตถุประสงค์เพื่อประเมินหรือเปรียบเทียบประสิทธิภาพของสิ่งส่งตรวจแต่ละชนิดหรือเพื่อการเฝ้าระวังทางโมเลกุล (molecular surveillance) ดังนั้นผลการทดสอบที่ได้จึงเป็นการแปลผลการทดสอบภายใต้ขอบเขตของการศึกษาเท่านั้น

เมื่อพิจารณาผลการวิเคราะห์ทางสถิติ พบว่าปัจจัยบางตัวมีนัยสำคัญในการวิเคราะห์แบบ univariable analysis แต่ไม่คงอยู่ใน multivariable analysis อาจเกิดจากความสัมพันธ์ระหว่างตัวแปร (confounding factors) โดยเฉพาะอายุและฤดูกาลที่มีความเชื่อมโยงกัน การใช้ multivariable analysis จึงช่วยสะท้อนแต่ละปัจจัยได้ดียิ่งขึ้น และความแตกต่างของผลลัพธ์ดังกล่าวควรถูกตีความว่าเป็นข้อจำกัดของการวิเคราะห์เชิงสถิติ

มากกว่าความขัดแย้งของผลการศึกษา การศึกษาครั้งนี้มีข้อจำกัดในเรื่องแหล่งข้อมูลได้มาจากแหล่งเดียวทำให้พบความชุกของการติดเชื้อฮิวแมนเมตะนิวโมไวรัสเฉพาะที่ศึกษาเท่านั้น หากมีการศึกษาข้อมูลจากหลายที่เพิ่มมากขึ้นจะช่วยเพิ่มความหลากหลายของข้อมูลทำให้สามารถวิเคราะห์ความสัมพันธ์ของปัจจัยต่าง ๆ ต่อการติดเชื้อฮิวแมนเมตะนิวโมไวรัสได้อย่างครอบคลุม มีความถูกต้อง และทราบถึงปัจจัยเสี่ยงกับเชื้อชนิดนี้ได้ดีมากยิ่งขึ้น

สรุป

จากข้อมูลการตรวจวิเคราะห์เชื้อฮิวแมนเมตะนิวโมไวรัสของห้องปฏิบัติการไวรัสวิทยา คณะแพทยศาสตร์โรงพยาบาลรามาธิบดี พบว่าการติดเชื้อฮิวแมนเมตะนิวโมไวรัสมีความชุกมากในช่วงเดือนตุลาคม ถึง พฤศจิกายน ซึ่งเป็นช่วงปลายฤดูฝนต้นฤดูหนาว เพศหญิงมีความเสี่ยงต่อการติดเชื้อฮิวแมนเมตะนิวโมไวรัสสูงมากกว่าเพศชาย และกลุ่มอายุระหว่าง 1-6 ปี เป็นกลุ่มที่พบการติดเชื้อสูงกว่าช่วงอายุอื่น สะท้อนให้เห็นว่าเด็กเล็กเป็นกลุ่มเสี่ยงสำคัญต่อการติดเชื้อชนิดนี้ ข้อมูลจากการศึกษานี้ช่วยให้เข้าใจลักษณะทางระบาดวิทยาของการติดเชื้อฮิวแมนเมตะนิวโมไวรัสในด้านช่วงเวลา เพศ และอายุของผู้ป่วย สามารถนำข้อมูลไปใช้เป็นข้อมูลพื้นฐานสำหรับเตรียมความพร้อมทางด้านการแพทย์ และสาธารณสุขในการดูแลรักษาผู้ป่วยโรคติดเชื้อระบบทางเดินหายใจได้อย่างเหมาะสมยิ่งขึ้น

การเปิดเผยการใช้ปัญญาประดิษฐ์

ผู้วิจัยได้ใช้ปัญญาประดิษฐ์ ChatGPT (Open AI, USA) เพื่อช่วยในการตรวจสอบความถูกต้องของไวยากรณ์ ปรับปรุงโครงสร้างประโยค ไม่ได้นำมาใช้ในการสร้างข้อมูล ผลทดสอบ ผลการวิเคราะห์ทางสถิติ หรือมีส่วนในการตัดสินใจเชิงวิชาการ ข้อมูลทั้งหมดที่เกี่ยวข้องกับการศึกษา การวิเคราะห์ทางสถิติ การแปลผล และการสรุปผล ได้ดำเนินการโดยผู้วิจัย

กิตติกรรมประกาศ

ขอขอบคุณ ห้องปฏิบัติการไวรัสวิทยา และภาควิชาพยาธิวิทยา คณะแพทยศาสตร์โรงพยาบาลรามาธิบดี ขอขอบคุณ รศ.ดร.บุษบา ฤกษ์อำนวยโชค ดร.เอกวัฒน์ ผสมทรัพย์ และเจ้าหน้าที่ห้องธุรการภาควิชาพยาธิวิทยา และผู้เกี่ยวข้องทุกท่านที่ส่งเสริมและสนับสนุนการศึกษาวิจัย ขอขอบคุณ รศ.ดร.ศศิวิมล รัตนสิริ นางสาวศศิภรณ์ สิทธิศร นายพงศ์สันต์ ฉัตรแสงเจริญ และ นางสาวณรดา รัตนาไพบูลย์ ที่ได้ให้การช่วยเหลือและแนะนำการใช้งานโปรแกรมวิเคราะห์ทางด้านสถิติ

เอกสารอ้างอิง

1. van den Hoogen BG, de Jong JC, Groen J, Kuiken T, de Groot R, Fouchier RA, et al. A newly discovered human pneumovirus isolated from young children with respiratory tract disease. Nat Med 2001; 7(6): 719-24.
2. Uddin S, Thomas M. Human metapneumovirus. [Updated 2023 Jul 17]. In: StatPearls. [online]. Treasure Island, FL: StatPearls Publishing; 2026. [cited 2025 Aug 18]. Available from: URL: https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK560910.
3. Panda S, Mohakud NK, Pena L, Kumar S. Human metapneumovirus: review of an important respiratory pathogen. Int J Infect Dis 2014; 25: 45-52.
4. Schildgen V, van den Hoogen B, Fouchier R, Tripp RA, Alvarez R, Manoha C, et al. Human metapneumovirus: lessons learned over the first decade. Clin Microbiol Rev 2011; 24(4): 734-54.
5. Boivin G, Abed Y, Pelletier G, Ruel L, Moisan D, Côté S, et al. Virological features and clinical manifestations associated with human metapneumovirus: a new paramyxovirus responsible for acute respiratory-tract infections in all age groups. J Infect Dis 2002; 186(9): 1330-4.

6. Haas LE, Thijsen SF, van Elden L, Heemstra KA. Human metapneumovirus in adults. Viruses 2013; 5(1): 87-110.
7. Shafagati N, Williams J. Human metapneumovirus-what we know now. F1000Res 2018; 7: 135. (11 pages).
8. Wang X, Li Y, Deloria-Knoll M, Madhi SA, Cohen C, Ali A, et al. Global burden of acute lower respiratory infection associated with human metapneumovirus in children under 5 years in 2018: a systematic review and modelling study. Lancet Glob Health 2021; 9(1): e33–e43.
9. Divarathna MVM, Rafeek RAM, Noordeen F. A review on epidemiology and impact of human metapneumovirus infections in children using TIAB search strategy on PubMed and PubMed Central articles. Rev Med Virol 2020; 30: e2090. (23 pages).
10. Zhao H, Feng Q, Feng Z, Zhu Y, Ai J, Xu B, et al. Clinical characteristics and molecular epidemiology of human metapneumovirus in children with acute lower respiratory tract infections in China, 2017 to 2019: a multicentre prospective observational study. Virol Sin 2022; 37(6): 874–82.
11. Khales P, Razizadeh MH, Ghorbani S, Tameshkel FS, Saadati H, Vazirzadeh M, et al. The prevalence and role of human metapneumovirus in respiratory tract infections: a systematic review and meta-analysis of global data. EClinicalMedicine 2025; 88: 103480. (15 pages).
12. Mu T, Pei J, Wang J, Niu L, Wu Z. Epidemiology and genetic diversity of human metapneumovirus in patients with severe acute respiratory infection from 2023 to 2024 in Ningxia, China. Diseases 2025; 13(8): 255. (13 pages).
13. Min X, Wang Y, Dong X, Dong X, Wang N, Wang Z, et al. Epidemiological characteristics of human metapneumovirus among children in Nanjing, China. Eur J Clin Microbiol Infect Dis 2024; 43(7): 1445-52.
14. Kivit C, Groen K, Jongbloed M, Linssen C, van Loo A, van Gorp E, et al. An off-season outbreak of human metapneumovirus infections after ending of a COVID-19 lockdown. J Infect 2022; 84(5): 722-46.
15. Thongpan I, Suntronwong N, Vichaiwattana P, Wanlapakorn N, Vongpunsawad S, Poovorawan Y. Respiratory syncytial virus, human metapneumovirus, and influenza virus infection in Bangkok, 2016-2017. PeerJ 2019; 7: e6748. (17 pages).
16. Esper F, Martinello RA, Boucher D, Weibel C, Ferguson D, Landry ML, et al. A 1-year experience with human metapneumovirus in children aged < 5 years. J Infect Dis 2004; 189(8): 1388-96.
17. Samransamruajkit R, Thanasugarn W, Prapphal N, Theamboonlers A, Poovorawan Y. Human metapneumovirus in infants and young children in Thailand with lower respiratory tract infections; molecular characteristics and clinical presentations. J Infect 2006; 52(4): 254-63.
18. Davis CR, Stockmann C, Pavia AT, Byington CL, Blaschke AJ, Hersh AL, et al. Incidence, morbidity, and costs of human metapneumovirus infection in hospitalized children. J Pediatric Infect Dis Soc 2016; 5(3): 303-11.
19. Horthongkham N, Athipanyasilp N, Sirijatuphat R, Assanasen S, Sutthent R. Prevalence and molecular characterization of human metapneumovirus in influenza a negative sample in Thailand. J Clin Lab Anal. 2014; 28(5): 398-404.

20. Teeratakulpisarn J, Ekalaksananan T, Pientong C, Limwattananon C. Human metapneumovirus and respiratory syncytial virus detection in young children with acute bronchiolitis. Asian Pac J Allergy Immunol 2007; 25(2-3): 139-45.
21. Pavlin JA, Hickey AC, Ulbrandt N, Chan YP, Endy TP, Boukhvalova MS, et al. Human metapneumovirus reinfection among children in Thailand determined by ELISA using purified soluble fusion protein. J Infect Dis 2008; 198(6): 836-42.
22. Yahia S, Kandeel AY, Hammad E, El-Gilany AH. Human metapneumovirus (hMPV) in acute respiratory infection: a clinic-based study in Egypt. Indian J Pediatr 2012; 79(10): 1323-7.
23. Lamichhane J, Upreti M, Nepal K, Upadhyay BP, Maharjan U, Shrestha RK, et al. Burden of human metapneumovirus infections among children with acute respiratory tract infections attending a Tertiary Care Hospital, Kathmandu. BMC Pediatr 2023; 23(1): 388. (9 pages).
24. Jirapaiboonsuk S. Emerging viral respiratory tract infection: human metapneumovirus (hMPV). Vajira Med J. [serial online]. 2009; [cited 2025 Aug 18]; 53(1): 101-8. Available from: URL: https://he02.tci-thaijo.org/index.php/VMED/article/view/388/331.
25. Rodriguez PE, Frutos MC, Adamo MP, Cuffini C, Cámara JA, Paglini MG, et al. Human metapneumovirus: epidemiology and genotype diversity in children and adult patients with respiratory infection in Córdoba, Argentina. PLoS One 2020; 15(12): e0244093. (12 pages).
26. Panasik A, Pancer K. Zakazenia metapneumowirusem człowieka (hMPV) u małych dzieci [Human metapneumovirus (HMPV) infections in young children]. Przegl Epidemiol 2009; 63(3): 369-74.
27. Jallow MM, Fall A, Kiori D, Sy S, Goudiaby D, Barry MA, et al. Epidemiological, clinical and genotypic features of human metapneumovirus in patients with influenza-like illness in Senegal, 2012 to 2016. BMC Infect Dis 2019; 19(1): 457. (9 pages).
28. ณัฐ ภมรประวัติ. Human metapneumovirus ในคนไข้ที่เป็น SARS. รายงานเฝ้าระวังทางระบาดวิทยาประจำสัปดาห์ 2546; 34(41): 770-1.
29. Rakmanee K, Watthanachockchai T, Yutthanakarnwikom P, Pasomsub E. A ten-year retrospective study on patterns of pathogens in acute respiratory tract infection at Ramathibodi Hospital, Thailand. Bull Dept Med Sci. 2025; 67(4): 611-24.

A Retrospective Study of Respiratory Tract Infections Caused by Human Metapneumovirus in Patients at Ramathibodi Hospital Between 2012-2022

Treewat Watthanachockchai[1], Kingkan Rakmanee[1], Pichet Yutthanakarnwikom[1], Manutsanun Boonyanuwat[2], Sirapichaya Phlykaew[2], Praphan Suksudej[3], Vorthunju Nakhonsri[4], Wuttipong Jaihan[5], and La-or Chailurkit[6]

[1]Department of Pathology, Faculty of Medicine, Ramathibodi Hospital, Mahidol University, Bangkok 10400, Thailand

[2]Department of Microbiology, Faculty of Science, Chulalongkorn University, Bangkok 10330, Thailand

[3]Molecular laboratory, Labhouse (Chonburi Co., Ltd.), Chonburi 20000, Thailand

[4]National Biobank of Thailand, National Science and Technology Development Agency, Pathum Thani 12120, Thailand

[5]Division of Biology, Faculty of Science and Technology, Rajamangala University of Technology Thanyaburi, Pathum Thani 12110, Thailand

[6]Division of Endocrinology and Metabolism, Department of Medicine, Faculty of Medicine Ramathibodi Hospital, Mahidol University, Bangkok 10400, Thailand

ABSTRACT Human metapneumovirus (hMPV) is a significant etiological agent of respiratory infections on a global scale. A study of 41,261 patients from the Virology Laboratory at the Faculty of Medicine, Ramathibodi Hospital, conducted between 2012 and 2022, identified 2,959 cases of hMPV infection, representing a prevalence of 7.17%. The study found that the period between September and November 2015 exhibited the highest infection rates. A statistically significant disparity was observed in the infection rate between males and females, with females exhibiting a higher prevalence of infection (11.46%) compared to males (p-value = 0.006, OR = 1.18, 95% CI = 1.05-1.33). This difference was particularly pronounced in the month of September. Preschool children aged 3-6 years exhibited the highest prevalence (10.52%), while adolescents aged 12-18 years demonstrated the lowest prevalence (1.47%). The highest

risk of infection was identified in toddlers aged 1 to 3 years ($p < 0.001$, OR = 2.75, 95% CI = 2.26-3.34). Nasopharyngeal swabs exhibited a higher frequency of viral presence compared to other sample types ($p < 0.001$, OR = 1.45, 95% CI = 1.27-1.65). The study's findings suggest that hMPV is prevalent across all age groups, particularly among young children. This information can be utilized to optimize the operational readiness of medical laboratories. It can inform crucial decisions regarding the allocation of personnel, materials, equipment, and medical instruments, thereby facilitating the effective and adequate management of hMPV outbreaks and ensuring the provision of adequate medical services.

Keywords: Human metapneumovirus, Retrospective study, Age distribution, Seasonal variation